

MODEL STOKASTIK PENYEBARAN PENYAKIT KOLERA

MAISURA¹, H. SUMARNO², P. SIANTURI²

Abstrak

Kolera adalah penyakit infeksi akut yang disebabkan oleh bakteri *Vibrio Cholerae* yang masuk ke dalam tubuh melalui makanan dan minuman yang dikonsumsi oleh penderita. Penelitian ini bertujuan untuk melihat penyebaran penyakit kolera dengan menggunakan model stokastik. Pada penelitian ini dikaji dua model yaitu, Pendekatan Stokastik Model Wang dan Modnak dengan populasi konstan dan pada populasi tidak konstan untuk menganalisis peluang wabah. Peluang wabah diperoleh dengan menggunakan *probability generating function* (pgf) keturunan proses bercabang. Simulasi dilakukan untuk melihat perilaku model populasi konstan dan tidak konstan. Hasil dari penelitian ini adalah dalam model stokastik, ketika bilangan reproduksi dasar lebih besar dari satu ($R_0 > 1$), masih ada kemungkinan menuju peluang bebas penyakit. Selain itu, tidak ada perbedaan antara model populasi konstan dan tidak konstan terhadap peluang bebas penyakit.

Kata kunci: kolera, stokastik, peluang wabah.

1 PENDAHULUAN

Kolera adalah penyakit infeksi akut yang disebabkan oleh bakteri *Vibrio Cholerae* yang masuk ke dalam tubuh melalui makanan dan minuman yang dikonsumsi oleh penderita. Bakteri tersebut mengeluarkan racunnya pada saluran usus sehingga terjadi diare (*diarrhoea*) disertai muntah yang hebat. Akibatnya seseorang kehilangan cairan tubuh yang banyak dan masuk pada kondisi dehidrasi. Apabila dehidrasi tidak segera ditangani akan menyebabkan kematian. Menurut Johnson (2004), kolera adalah penyakit yang telah lama menyerang manusia dan terus menjadi masalah bagi kesehatan masyarakat dunia. Penularan penyakit kolera ini dapat melalui air, makanan, dan sanitasi yang buruk. Pada tahun 2014 total kasus kolera sebanyak 190.549 dilaporkan ke WHO oleh 42 negara, 55% dari kasus berasal dari Afrika, 30% dari Asia dan 15% dari Hispaniola. Total kasus kematian akibat kolera sebanyak 2231 kematian yang dilaporkan oleh 24 negara. Diduga terdapat lebih dari 2 juta kasus dan hampir seratus ribu kematian karena kolera setiap tahunnya. Menurut Unicef (2012), kolera adalah penyakit yang paling mematikan di sebagian besar negara berkembang, terutama di Asia, Afrika, dan Amerika Latin. Kolera adalah penyakit yang disebabkan oleh bakteri *Vibrio Cholerae* yang masuk ke dalam tubuh melalui makanan dan minuman yang dikonsumsi oleh penderita. Bakteri tersebut mengeluarkan racunnya pada saluran usus sehingga terjadi diare (*diarrhoea*) disertai muntah yang hebat. Akibatnya seseorang kehilangan cairan tubuh yang banyak dan masuk pada kondisi dehidrasi. Apabila dehidrasi tidak segera ditangani akan menyebabkan kematian. Menurut Johnson (2004), kolera adalah penyakit yang telah lama menyerang manusia dan terus menjadi masalah bagi kesehatan masyarakat dunia. Penularan penyakit kolera ini dapat melalui air, makanan, dan sanitasi yang buruk. Pada tahun 2014 total kasus kolera sebanyak 190.549 dilaporkan ke WHO oleh 42 negara, 55% dari kasus berasal dari Afrika, 30% dari Asia dan 15% dari Hispaniola. Total kasus kematian akibat kolera sebanyak 2231 kematian yang dilaporkan oleh 24 negara. Diduga terdapat lebih dari 2 juta kasus dan hampir seratus ribu kematian karena kolera setiap tahunnya. Menurut Unicef (2012), kolera adalah penyakit yang paling mematikan di sebagian besar negara berkembang, terutama di Asia, Afrika, dan Amerika Latin.

Penelitian mengenai dinamika penyebaran penyakit kolera telah banyak dilakukan. Codeco (2001) memperkenalkan model penyebaran kolera dengan

¹ Mahasiswa S2 Program Studi Matematika Terapan, Sekolah Pascasarjana IPB, Jalan Meranti Kampus IPB Dramaga Bogor, 16680. Email: maisura.maay@gmail.com

² Departemen Matematika, Fakultas Ilmu Matematika dan Pengetahuan Alam, Jalan Meranti Kampus IPB Dramaga Bogor, 16680.

menggunakan model SI-B (*Susceptible-Infected-Bacterial population in the aquatic reservoir*), dalam model tersebut dipertimbangkan peran sanitasi air untuk menghambat perkembangan bakteri. Selanjutnya Wang dan Modnak (2011) melakukan penyempurnaan model Codeco yaitu dengan mempertimbangkan adanya manusia yang sembuh, di mana manusia tersebut tidak kembali lagi sakit yang disebut dengan model SIR-B (*Susceptible-Infected-Recovered-Bacterial population in the aquatic reservoir*).

Kedua model di atas (SI-B, dan SIR-B) menggunakan model epidemik deterministik. Menurut Mode dan Sleeman (2000) semua model deterministik tidak lengkap karena tidak dapat menjelaskan adanya faktor ketidakpastian yang menjadi ciri khas dari model epidemik, sehingga membutuhkan model stokastik, yang pada model stokastik pengaruh acak dipertimbangkan.

Berdasarkan pada latar belakang tersebut maka tujuan dari penelitian ini adalah:

1. Memodifikasi model penyebaran penyakit kolera SIR-B Wang dan Modnak menjadi model stokastik.
2. Melakukan analisis peluang wabah model SIR-B Wang dan Modnak untuk populasi konstan dan populasi tidak konstan.
3. Melakukan simulasi untuk melihat perilaku pendekatan model Wang dan Modnak dengan populasi konstan dan populasi tidak konstan.

2 Tinjauan Pustaka

Titik Tetap

Misalkan diberikan sistem persamaan diferensial sebagai berikut:

$$\dot{x} = f(x)$$

Titik \bar{x} disebut titik tetap, jika $f(\bar{x}) = 0$. Titik tetap disebut juga titik kritis atau titik kesetimbangan atau titik ekuilibrium (Tu 1994). Untuk selanjutnya digunakan istilah titik tetap.

Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan reproduksi dasar merupakan nilai harapan terjadinya infeksi setiap satuan waktu. Infeksi ini terjadi pada suatu populasi rentan yang dihasilkan oleh satu individu yang sudah terinfeksi, dinotasikan dengan \mathcal{R}_0 (Van Den Driessche dan Watmough 2002). Dalam penelitian ini, untuk menentukan \mathcal{R}_0 digunakan metode yang dikenalkan oleh Van Den Driessche dan Watmough (2002), yaitu dengan mengonstruksi suatu matriks yang berasal dari subpopulasi-subpopulasi yang menyebabkan infeksi. Matriks tersebut dikenal dengan *the next generation matrix*.

The next generation matrix mempunyai dua bagian yaitu F dan V^{-1} yang didefinisikan sebagai

$$C = FV^{-1}.$$

Bagian F dan V adalah matriks-matriks yang berukuran $n \times n$, yaitu

$$F = \frac{\partial \mathcal{F}_i}{\partial a_i}(0, b_0) \text{ dan } V = \frac{\partial \mathcal{V}_i}{\partial a_i}(0, b_0)$$

dengan $(0, b_0)$ adalah titik tetap tanpa penyakit. Notasi \mathcal{F}_i menyatakan laju infeksi pada kompartemen penyakit ke- i dan \mathcal{V}_i menyatakan laju pergerakan penyakit, kematian dan kesembuhan dari kompartemen ke- i . Menurut Van Den Driessche dan Watmough (2002), diperoleh

$$\mathcal{R}_0 = \rho(FV^{-1})$$

dengan $\rho(FV^{-1})$ adalah maksimum dari modulus nilai-nilai eigen dari $C = FV^{-1}$.

Proses Markov

Proses Markov adalah proses stokastik di mana kejadian yang akan datang dari suatu sistem hanya bergantung pada waktu yang sedang terjadi (waktu kini) dan tidak bergantung pada waktu lampau.

Definisi 2.1 Sebuah proses stokastik waktu diskrit $\{X_n\}_{n=0}^{\infty}$ disebut memiliki sifat Markov jika

$$P(X_n = i_n | X_0 = i_0, \dots, X_{n-1} = i_{n-1}) = P(X_n = i_n | X_{n-1} = i_{n-1}),$$

di mana nilai $i_k \in \{1, 2, \dots\}$ untuk $k = 0, 1, 2, \dots, n$. Proses stokastik tersebut dinamakan rantai Markov waktu diskrit (Allen 2003).

Proses Bercabang

Proses bercabang pertama kali diteliti oleh Irene Bienayme pada tahun 1845 yang kemudian di kembangkan pada tahun 1870 oleh Henry William Watson seorang ahli matematika, dan Francis Galton seorang biometrika.

Definisi 2.2

Tiga asumsi dasar definisi proses bercabang Galton-Watson

1. untuk setiap individu dalam generasi n yang memberikan kelahiran keturunan Y_n dalam generasi selanjutnya, dimana Y_n adalah variabel acak dengan nilainya $\{0, 1, 2, \dots\}$ distribusi keturunannya adalah $\{p_k\}_{k=0}^{\infty}$, dimana

$$P\{Y_n = k\} = p_k, \quad k = 0, 1, 2, 3, \dots,$$
2. untuk setiap individu memberikan kelahiran yang saling bebas dari semua individu yang lain,
3. distribusi keturunan untuk semua n generasi adalah $Y_n = Y$.

(Allen 2003)

Untuk menentukan proses bercabang, misalkan $\{\vec{I}(t): t \in [0, \infty)\}$ adalah koleksi variabel acak vektor diskrit, $\vec{I}(t) = (I_1(t), \dots, I_n(t))^{tr}$. Di mana tr adalah *transpose matrix*. Diasumsikan bahwa individu tipe i memberikan kelahiran individu tipe j dan jumlah keturunan yang dihasilkan tipe i tidak bergantung pada jumlah keturunan yang dihasilkan oleh individu lain pada tipe i atau tipe j , dan $j \neq i$. Selain itu, individu tipe i memiliki *probability-generating function* (pgf) keturunan yang

sama. Misalkan $\{Y_{ji}\}_{j=1}^n$ adalah variabel acak keturunan untuk tipe i , $i = 1, 2, \dots, n$.

Probabilitas satu individu tipe i melahirkan k_j individu tipe j adalah.

$$P_i(k_1, \dots, k_n) = P\{Y_{1i} = k_1, \dots, Y_{ni} = k_n\}.$$

Selanjutnya pgf keturunan tipe i diberikan oleh $I_i(0) = 1$, dan $I_j(0) = 0$, $j \neq i$, dan $f_i: [0,1]^n \rightarrow [0,1]$ yang didefinisikan dengan

$$f_i(u_1, \dots, u_n) = \sum_{k_n=0}^{\infty} \dots \sum_{k_1=0}^{\infty} P_i(k_1, \dots, k_n) u_1^{k_1} \dots u_n^{k_n},$$

di mana $f_i(1, \dots, 1) = 1$.

Berdasarkan Allen dan Lahodny (2012) diperoleh bahwa: jika $\mathcal{R}_0 \leq 1$ maka peluang bebas penyakit dapat diperoleh

$$\lim_{t \rightarrow \infty} P\{\vec{I}(t) = 0\} = 1,$$

dan $\mathcal{R}_0 > 1$, dengan $0 < q_j < 1$, $[f_i(q_1, \dots, q_n) = q_i]$ adalah

$$\lim_{t \rightarrow \infty} P\{\vec{I}(t) = 0\} = q_1^{i_1} \dots q_n^{i_n} < 1,$$

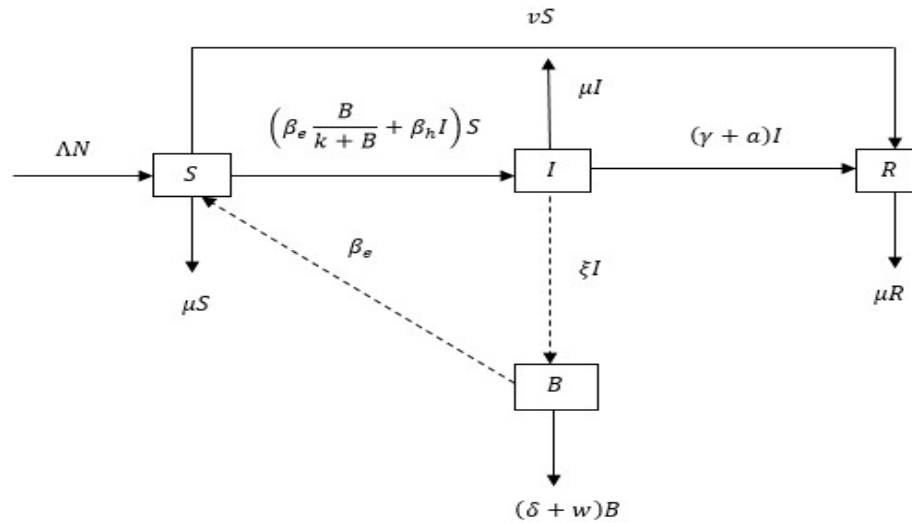
dan peluang wabah dapat dihitung dengan $1 - \{P\{\vec{I}(t) = 0\}\}$.

Model penyebaran kolera SIR-B Wang dan Modnak dengan populasi konstan

Model Wang dan Modnak melibatkan empat kompartemen yaitu S , I , R , dan B . Misalkan S , I , dan R masing-masing menyatakan kompartemen individu rentan terserang penyakit (*susceptible*), kompartemen individu yang terinfeksi (*infected*), dan kompartemen individu yang sembuh (*recovered*). Notasi B menyatakan konsentrasi bakteri *Vibrio Cholerae* di lingkungan (misalnya air yang terkontaminasi). Pada model ini diasumsikan bahwa laju kelahiran sama dengan laju kematian sehingga total ukuran populasi konstan yaitu $\frac{dN}{dt} = 0$. Karena populasi konstan maka dapat dinyatakan $N = S + I + R$ dengan N adalah total populasi. Pada model ini diperhatikan pengaruh tiga perlakuan yaitu vaksinasi (v), pengobatan (a), dan sanitasi air (w). Model ini dibangun sebagai kombinasi dari sistem populasi manusia dan komponen lingkungan (*SIR-B*).

Pada model ini individu rentan dapat berpindah ke populasi terinfeksi dengan laju $\beta_e \frac{B}{k+B} + \beta_h I$, sehingga kompartemen S akan berkurang karena terinfeksi kolera baik karena mencerna bakteri di lingkungan (β_e) atau melalui interaksi manusia ke manusia (β_h). Vaksinasi diberikan kepada populasi rentan dengan laju v , sehingga sebanyak vS individu keluar dari kompartemen individu yang rentan dan masuk ke kompartemen individu sembuh. Individu terinfeksi dapat sembuh secara alami dengan laju γI dan dapat sembuh akibat pengobatan dengan laju aI . Selanjutnya, individu pada populasi sembuh tidak menjadi rentan lagi atau terinfeksi kembali. Individu pada kompartemen terinfeksi dapat mempengaruhi jumlah individu anggota kompartemen konsentrasi bakteri *V. Cholerae* di lingkungan dengan laju ξI .

Secara skematis, pola penyebaran penyakit kolera Model 1 digambarkan dalam diagram kompartemen pada Gambar 1 sebagai berikut:



Gambar 1 Diagram kompartemen penyebaran kolera SIR-B Wang dan Modnak

Nilai dari parameter diperoleh dari berbagai sumber sebagai berikut.

Tabel 1 Parameter Pada Penyebaran Penyakit Kolera

Parameter	Keterangan	Nilai	Satuan
μ	Laju kelahiran	$((43.5)^{-1})^a$	hari ⁻¹
Λ	Laju kematian	$((43.5)^{-1})^a$	hari ⁻¹
k	Konsentrasi jenuh bakteri dalam air yang menyebabkan kemungkinan 50% terkena kolera	$(10^6)^a$	sel/ml
γ	Laju kesembuhan	$(5^{-1})^a$	hari ⁻¹
ξ	Kontribusi yang dibuat oleh setiap individu terinfeksi yang mengakibatkan kenaikan populasi bakteri bakteri <i>V. Cholera</i>	$(10)^a$	sel/ml.hari ⁻¹
β_e	Laju mencerna bakteri <i>V. Cholerae</i> dari air yang terkontaminasi	$(0.075)^a$	hari ⁻¹
β_h	Laju mencerna bakteri <i>V. Cholerae</i> melalui interaksi manusia ke manusia	$(0.00011)^a$	hari ⁻¹
δ	Laju kematian alamiah bakteri <i>V. Cholera</i>	$(30^{-1})^a$	hari ⁻¹
$I(0)$	Banyaknya individu terinfeksi pada awalnya	$(2)^a$	-
$S(0)$	Banyaknya individu rentan pada awalnya	$(9997)^b$	-
$B(0)$	Banyaknya konsentrasi bakteri <i>V. Cholerae</i> di lingkungan pada awalnya	$(1)^b$	-
N	Total populasi	$(10000)^a$	-

^aNilai parameter diperoleh dari Wang dan Modnak (2011)

^bNilai parameter diasumsikan oleh penulis

Selanjutnya, model Wang dan Modnak (2011) akan dimodifikasi menjadi model stokastik, yaitu model dengan populasi konstan (Model 1) dan model dengan populasi tidak konstan (Model 2).

3 METODE

Berikut langkah-langkah umum yang dilakukan dalam penelitian ini.

1. Melakukan analisis peluang wabah model SIR-B Wang dan Modnak Model 1.
2. Melakukan analisis peluang wabah model SIR-B Wang dan Modnak Model 2.
3. Melakukan simulasi Model 1 dan Model 2 dalam rangka untuk melihat perilaku peluang wabah dengan mengubah parameter vaksinasi, pengobatan, dan sanitasi air.

4 HASIL DAN PEMBAHASAN

Model 1 : Pendekatan Stokastik Model Wang dan Modnak dengan Populasi Konstan

Model 1 merupakan pendekatan stokastik model Wang dan Modnak dengan mengasumsikan populasi konstan. Karena populasi konstan maka dapat dinyatakan $N = S + I + R$ dengan N adalah total populasi. Model stokastik mempertimbangkan variabel acak. Ada empat variabel acak pada Model 1 yaitu S, I, R dan B . Variabel R bisa dihitung berdasarkan dua variabel lainnya, yaitu $R = N - S - I$, sehingga diasumsikan ada 3 variabel acak bebas yaitu S, I dan B .

Peluang Transisi

Peluang transisi adalah peluang bahwa suatu proses stokastik yang mula-mula berada pada *state* i setelah transisi akan berada pada *state* j (Ross 2010). Model ini mengasumsikan bahwa memenuhi sifat Markov yaitu:

$$P\{S(t + \Delta t), I(t + \Delta t), B(t + \Delta t) | (S(0), I(0), B(0)), (S(\Delta t), I(\Delta t), B(\Delta t)), \dots, (S(t), I(t), B(t))\} = P\{S(t + \Delta t), I(t + \Delta t), B(t + \Delta t) | S(t), I(t), B(t)\}.$$

Misalkan pada saat t , $S(t) = s$, $S(t + \Delta t) = l$, $I(t) = i$, $I(t + \Delta t) = j$, $B(t) = b$ dan $B(t + \Delta t) = m$. Peluang perpindahan dari *state* s menuju *state* l , dari *state* i menuju *state* j , dari *state* b menuju *state* m dapat dinyatakan:

$$P_{(s+l, i+j, b+m)}(s, i, b)(\Delta t) \\ = P\{S(t + \Delta t) = l, I(t + \Delta t) = j, B(t + \Delta t) = m | S(t) = s, I(t) = i, B(t) = b\}.$$

Berdasarkan sifat peluang transisi Model 1, diasumsikan Δt sekecil mungkin sehingga paling banyak terjadi satu kejadian, diperoleh peluang transisi pada Model 1 adalah sebagai berikut

$$P_{(s+l,i+j,b+m)}(s, i, b)(\Delta t) = \begin{cases} \left(\beta_e \frac{b}{k+b} + \beta_h i \right) s \Delta t, & (l, j, m) = (-1, 1, 0), & S \rightarrow I \\ (\gamma + a) i \Delta t, & (l, j, m) = (0, -1, 0), & I \rightarrow R \\ v s \Delta t, & (l, j, m) = (-1, 0, 0), & S \rightarrow R \\ \xi i \Delta t, & (l, j, m) = (0, 0, 1), & I \rightarrow B \\ (\delta + w) b \Delta t, & (l, j, m) = (0, 0, -1), & B \rightarrow B - 1 \\ \Lambda n \Delta t, & (l, j, m) = (1, 0, 0), & S \rightarrow S + 1 \\ \mu s \Delta t, & (l, j, m) = (-1, 0, 0), & S \rightarrow S - 1 \\ \mu i \Delta t, & (l, j, m) = (0, -1, 0), & I \rightarrow I - 1 \\ \mu(n - s - i) \Delta t, & (l, j, m) = (0, 0, 0), & R \rightarrow R - 1 \\ 1 - Q(t) \Delta t, & & \text{selainnya} \end{cases} \quad (1)$$

di mana

$$Q(t) = \left(\beta_e \frac{b}{k+b} + \beta_h i \right) s + (\gamma + a) i + v s + \xi i + (\delta + w) b + \mu n + \Lambda n.$$

Selanjutnya, peluang transisi ini digunakan untuk menentukan peluang wabah pada Model 1.

Peluang Wabah

Peluang wabah ditentukan dengan:

$$1 - P(I(t) = 0) = \begin{cases} 0, & \mathcal{R}_0 \leq 1 \\ 1 - q_1^i q_2^b, & \mathcal{R}_0 > 1, \end{cases}$$

dan peluang terjadinya bebas penyakit adalah

$$P(I(t) = 0) = \begin{cases} 1, & \mathcal{R}_0 \leq 1 \\ q_1^i q_2^b, & \mathcal{R}_0 > 1. \end{cases}$$

Bilangan reproduksi dasar (\mathcal{R}_0) diperoleh dengan menggunakan *the next generation matrix*, sehingga diperoleh matriks F dan V sebagai berikut

$$F = \begin{pmatrix} \mu \beta_h \frac{N}{\mu + v} & \frac{\mu \beta_e}{k} \frac{N}{\mu + v} \\ 0 & 0 \end{pmatrix},$$

$$V = \begin{pmatrix} \gamma + \mu + a & 0 \\ -\xi & \delta + w \end{pmatrix}.$$

Berdasarkan pendekatan metode Van Den Driessche dan Watmough (2002) bilangan reproduksi dasar (\mathcal{R}_0) diperoleh:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{n\mu(k\beta_h(w + \delta) + \beta_e\xi)}{k(w + \delta)(v + \mu)(\alpha + \gamma + \mu)}. \quad (2)$$

Penentuan $q_1^i q_2^b$ menggunakan *probability generating function* (pgf) dengan proses bercabang berganda. Hal ini disebabkan karena ada dua variabel yang menyebabkan infeksi, yaitu I dan B . Seperti halnya dalam menentukan bilangan reproduksi dasar (\mathcal{R}_0) dengan menggunakan pendekatan Van Den Driessche dan

Watmough (2002), pgf untuk proses bercabang berganda dapat didefinisikan dengan variabel I dan B . Misalkan kompartemen individu rentan mendekati titik tetap tanpa penyakit dan banyaknya individu yang terinfeksi cukup sedikit, sehingga diasumsikan $S(t) = S_0 = \frac{n\mu}{\mu+v}$, $R(t) = 0$. Berdasarkan persamaan (1) diperoleh pgf untuk I adalah

$$f_1(u_1, u_2) = \frac{\beta_h S_0 u_1 + \xi u_2 + \mu + \gamma + a}{\beta_h S_0 + \xi + \mu + \gamma + a},$$

dan pgf untuk B adalah

$$f_2(u_1, u_2) = \frac{(\lambda_e S_0 + \beta_h S_0) u_1 u_2 + \delta + w}{\lambda_e S_0 + \beta_h S_0 + \delta + w}.$$

Dengan $f_i(q_1, \dots, q_n) = q_i$, diperoleh q_1 dan q_2 sebagai berikut

$$q_1^i q_2^b = \left(\frac{w + \delta}{\lambda_e S_0 + \beta_h S_0} + \frac{a + \gamma + \mu}{a + \gamma + \mu + \xi} \right)^i \left(\frac{(w + \delta)(a + \gamma + \mu + \xi)}{(\lambda_e S_0 + \beta_h S_0)\xi} \right)^b.$$

Model 2 : Pendekatan Stokastik Model Wang dan Modnak dengan Populasi Tidak Konstan

Pada Model 2 diasumsikan populasi tidak konstan, yaitu laju kelahiran tidak sama dengan laju kematian sehingga total ukuran populasi tidak konstan yaitu $\frac{dN}{dt} \neq 0$. Model 2 juga dilakukan dengan mensubstitusi laju kelahiran alamiah dikurangkan dengan persamaan logistik ke dalam laju kematian, sehingga total populasinya tidak konstan (Allen, Burgin 2000). Jadi laju kematian alamiah adalah $\mu = \Lambda - f(N)$, dengan $f(N) = r \left(1 - \frac{N(t)}{K} \right)$ yang merupakan fungsi persamaan logistik, r adalah laju pertumbuhan populasi, dan K adalah jumlah populasi yang bisa didukung oleh lingkungan.

Pada Model 2 ada lima variabel acak yaitu S , I , R , B , dan N . Namun karena $N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$ dengan $N(t)$ adalah total populasi yang bergantung kepada waktu, maka ada 4 variabel acak yang diasumsikan bebas yaitu, $S(t)$, $I(t)$, $B(t)$ dan $N(t)$.

Peluang Transisi

Model ini mengasumsikan bahwa dipenuhi sifat Markov yaitu:

$$\begin{aligned} &P\{S(t + \Delta t), I(t + \Delta t), B(t + \Delta t) | N(t + \Delta t)\}, \\ & (S(0), I(0), B(0), N(0)) (S(\Delta t), I(\Delta t), B(\Delta t), N(\Delta t)), \dots, (S(t), I(t), B(t), N(t)) \} \\ &= P\{S(t + \Delta t), I(t + \Delta t), B(t + \Delta t), N(t + \Delta t) | S(t), I(t), B(t), N(t)\}. \end{aligned}$$

Misalkan pada saat t , $S(t) = s, S(t + \Delta t) = l, I(t) = i, I(t + \Delta t) = j, B(t) = b, B(t + \Delta t) = m, N(t) = n$ dan $N(t + \Delta t) = h$, peluang perpindahan $s \rightarrow l, i \rightarrow j, b \rightarrow m$, dan $n \rightarrow h$, yaitu peluang perpindahan dari *state* $(s, i, b, n) \rightarrow (l, j, m, h)$ dapat dinyatakan sebagai

$$\begin{aligned}
P_{(s+l,i+j,b+m,n+h)}(s,i,b,n)(\Delta t) \\
&= P\{S(t+\Delta t) = l, I(t+\Delta t) = j, B(t+\Delta t) = m, N(+\Delta t) = h | S(t) \\
&= s, I(t) = i, B(t) = b, N(t) = n\}.
\end{aligned}$$

Berdasarkan peluang transisi Model 2, yaitu diasumsikan Δt sekecil mungkin sehingga paling banyak terjadi satu kejadian, maka diperoleh peluang transisi pada Model 2 adalah sebagai berikut

$$\begin{aligned}
P_{(s+l,i+j,b+m,n+h)}(s,i,b,n)(\Delta t) = \\
\left\{ \begin{array}{ll}
\left(\beta_e \frac{b}{k+b} + \beta_h i \right) s \Delta t, & (l,j,m,h) = (-1,1,0,0) \quad S \rightarrow I \\
(\gamma + a) i \Delta t, & (l,j,m,h) = (0,-1,0,0) \quad I \rightarrow R \\
\Lambda n \Delta t, & (l,j,m,h) = (1,0,0,1) \quad S \rightarrow S+1 \\
vs \Delta t, & (l,j,m,h) = (-1,0,0,0) \quad S \rightarrow R \\
\left(\mu - r \left(1 - \frac{n}{K} \right) \right) (n - s - i) \Delta t, & (l,j,m,h) = (0,0,0,-1) \quad R \rightarrow R-1 \\
\left(\mu - r \left(1 - \frac{n}{K} \right) \right) i \Delta t, & (l,j,m,h) = (0,-1,0,-1) \quad I \rightarrow I-1 \\
\xi i \Delta t, & (l,j,m,h) = (0,0,1,0) \quad I \rightarrow B \\
(\delta + w) b \Delta t, & (l,j,m,h) = (0,0,-1,0) \quad B \rightarrow B-1 \\
\left(\mu - r \left(1 - \frac{N}{K} \right) \right) s \Delta t, & (l,j,m,h) = (-1,0,0,-1) \quad S \rightarrow S-1 \\
1 - U(t) \Delta t, & \text{selainnya}
\end{array} \right. \quad (3)
\end{aligned}$$

di mana

$$\begin{aligned}
U(t) = & \left(\beta_e \frac{b}{k+b} + \beta_h i \right) s + (\gamma + a) i + \Lambda n + vs + \left(\mu - r \left(1 - \frac{n}{K} \right) \right) n + \xi i + \\
& (\delta + w) b.
\end{aligned}$$

Selanjutnya, peluang transisi ini digunakan untuk menentukan peluang wabah pada Model 2.

Peluang Wabah

Peluang wabah ditentukan dengan

$$1 - P(I(t) = 0) = \begin{cases} 0, & \mathcal{R}_0 \leq 1 \\ 1 - q_1^i q_2^b, & \mathcal{R}_0 > 1, \end{cases}$$

dan peluang terjadinya bebas penyakit adalah

$$P(I(t) = 0) = \begin{cases} 1, & \mathcal{R}_0 \leq 1 \\ q_1^i q_2^b, & \mathcal{R}_0 > 1. \end{cases}$$

Bilangan reproduksi dasar (\mathcal{R}_0) untuk Model 2 ini sama dengan \mathcal{R}_0 pada Model 1, sehingga \mathcal{R}_0 dapat dilihat pada persamaan (2).

Seperti pada Model 1, penentuan $q_1^i q_2^b$ menggunakan *probability generating function* (pgf) dengan proses bercabang berganda. Misalkan kompartemen individu rentan mendekati titik tetap tanpa penyakit dan banyaknya individu yang terinfeksi

cukup sedikit, sehingga diasumsikan $S(t) = S_0 = \frac{n\mu}{\mu+v}$, $R(t) = 0$. Berdasarkan persamaan (3) diperoleh pgf untuk I adalah

$$f_1(u_1, u_2) = \frac{\beta_h S_0 u_1 + \xi u_2 + \mu - f(N) + \gamma + a}{\beta_h S_0 + \xi + \mu - f(N) + \gamma + a},$$

dan pgf untuk B adalah

$$f_2(u_1, u_2) = \frac{(\lambda_e S_0 + \beta_h S_0) u_1 u_2 + \delta + w}{\lambda_e S_0 + \beta_h S_0 + \delta + w}.$$

Dengan $f_i(q_1, \dots, q_n) = q_i$, diperoleh q_1 dan q_2 sebagai berikut

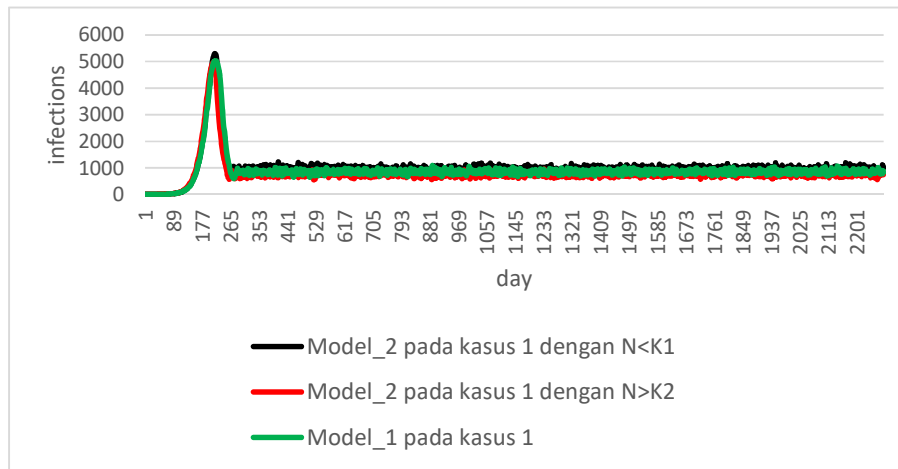
$$q_1^i q_2^b = \left(\frac{w + \delta}{\lambda_e S_0 + \beta_h S_0} + \frac{-f(N) + a + \gamma + \mu}{-f(N) + a + \gamma + \mu + \xi} \right)^i \left(\frac{(w + \delta)(-f(N) + a + \gamma + \mu + \xi)}{(\lambda_e S_0 + \beta_h S_0)\xi} \right)^b.$$

Simulasi Numerik

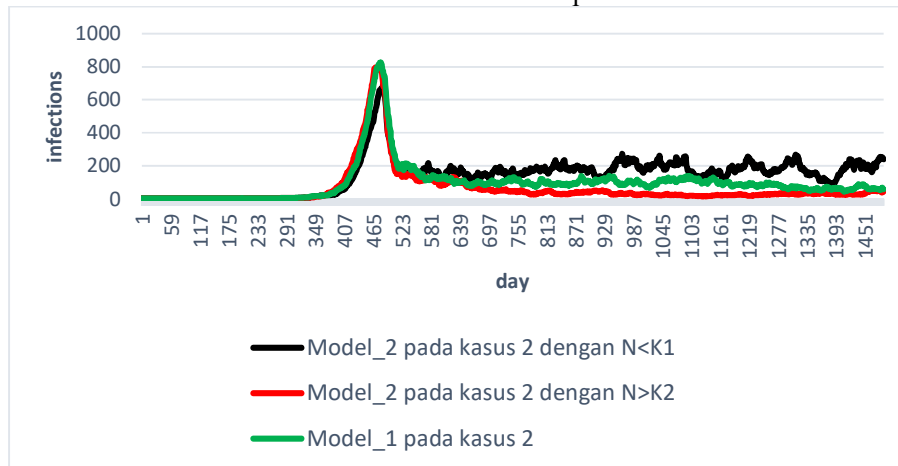
Simulasi numerik dilakukan dengan menggunakan perangkat lunak R untuk melihat perilaku Model 1 dan Model 2. Nilai untuk setiap parameter yang digunakan dapat dilihat pada Tabel 1. Dinamika populasi manusia yang terinfeksi dianalisis dengan mengubah parameter-parameter yang masih memungkinkan diberikan perlakuan dalam upaya penekanan penyebaran kolera. Perlakuan yang di ubah yaitu laju vaksinasi (v), laju pengobatan (a), dan sanitasi air (w). Ada tiga kasus yang disimulasikan pada penelitian ini. Kasus 1 tanpa memberikan perlakuan, artinya nilai parameter vaksinasi, pengobatan, dan sanitasi air sama dengan nol, Kasus 2 dengan memberikan perlakuan yaitu dengan memberikan nilai tak nol pada parameter vaksinasi, pengobatan, dan sanitasi air sehingga bilangan reproduksi dasar menjadi lebih besar satu ($\mathcal{R}_0 > 1$), dan Kasus 3 dengan memberikan perlakuan yaitu dengan memberikan nilai parameter vaksinasi, pengobatan, dan sanitasi air $4/3$ dari kasus 2, sehingga mengakibatkan $\mathcal{R}_0 \leq 1$.

Tabel 2 parameter nilai laju kelahiran dan kematian pada Model 1 dan Model 2

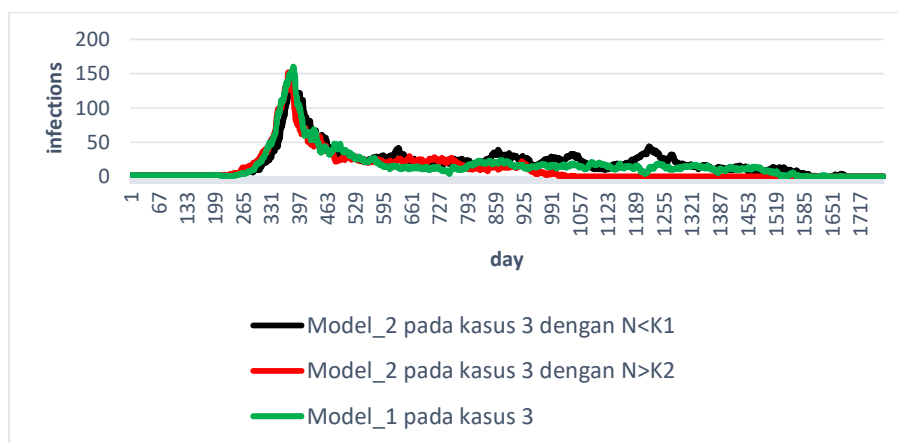
Model	Kasus 1 $v = a = w = 0$	Kasus 2 $a = 0.0002$ $v = 0.1$ $w = 0.001$	Kasus 3 $a = 0.0003$, $v = 0.1333$ $w = 0.0013$	keterangan
Model 1	$\Lambda = \mu = (43.5)^{-1}$	$\Lambda = \mu = (43.5)^{-1}$	$\Lambda = \mu = (43.5)^{-1}$	Populasi konstan.
Model 2	$\Lambda = (43.5)^{-1}$	$\Lambda = (43.5)^{-1}$	$\Lambda = (43.5)^{-1}$	Populasi tidak konstan.
$N < K1$	μ_1	μ_1	μ_1	
$N > K2$	μ_2	μ_2	μ_2	
	$\mathcal{R}_0 = 5.942$	$\mathcal{R}_0 = 1.104$	$\mathcal{R}_0 = 0.869$	
μ_1 Laju kematian pada Model 2 yaitu $\mu_1 = \Lambda - r \left(1 - \frac{N(t)}{K1} \right)$, dengan $K1 = 11000, r = 0.0149$				
μ_2 Laju kematian pada Model 2 yaitu $\mu_2 = \Lambda - r \left(1 - \frac{N(t)}{K2} \right)$, dengan $K2 = 9000, r = 0.0149$				



Gambar 2 Simulasi numerik Model 1 dan Model 2 pada Kasus 1



Gambar 3 Simulasi numerik Model 1 dan Model 2 pada Kasus 2



Gambar 4 Simulasi numerik Model 1 dan Model 2 pada Kasus 3

Berdasarkan Gambar 2, 3 dan 4 terlihat bahwa untuk masing-masing gambar tidak ada perbedaan jumlah individu yang terinfeksi pada setiap model. Namun untuk perbandingan antara Gambar 2, 3, dan 4 terlihat bahwa pada Kasus 3 banyaknya individu yang terinfeksi paling sedikit dibandingkan dengan yang lainnya. Hal ini disebabkan, semakin besar nilai perlakuan yang diberikan maka akan semakin menurunkan individu terinfeksi.

Dilain pihak bahwa pada Kasus 3 peluang wabah cenderung menuju ke nol dalam jangka waktu tertentu, sehingga akan terjadi peluang bebas penyakit. Sedangkan pada Kasus 1 dan Kasus 2 peluang wabah menuju endemik dalam artian bahwa penyakit akan mewabah. Namun pada setiap model ada kemungkinan peluang wabah menuju ke peluang bebas penyakit. Hal ini disebabkan karena adanya peluang bebas penyakit pada masing-masing model.

Tabel 3 Hasil peluang bebas penyakit pada Model 1 dan Model 2

Model 1	Peluang bebas penyakit	Model 2	Peluang bebas penyakit
Kasus 1	0.0000840	Kasus 1 $N < K1$	0.0000836
		$N > K2$	0.0000845
Kasus 2	0.0060747	Kasus 2 $N < K1$	0.0060655
		$N > K2$	0.0060859
Kasus 3	1	Kasus 3 $N < K1$	1
		$N > K2$	1

Berdasarkan hasil peluang bebas penyakit pada Tabel 3 terlihat bahwa Model 1 dan Model 2 pada Kasus 1 memiliki peluang bebas penyakitnya paling kecil. Hal ini disebabkan karena bilangan reproduksi dasar lebih besar dari satu ($\mathcal{R}_0 > 1$), sehingga menyebabkan peluang terjadinya wabah. Model 1 dan Model 2 pada Kasus 2 memiliki peluang bebas penyakit lebih besar dari Kasus 1, akan tetapi masih ada peluang terjadinya wabah dikarenakan ($\mathcal{R}_0 > 1$). Model 1 dan Model 2 pada Kasus 3 memiliki peluang bebas penyakit paling besar dari kasus sebelumnya yaitu sebesar 1, sehingga penyakitnya tidak mewabah. Hal ini disebabkan karena bilangan reproduksi dasar lebih kecil dari satu ($\mathcal{R}_0 < 1$).

Berdasarkan gambar dan peluang bebas penyakit dapat disimpulkan bahwa perbandingan antara Model 1 dan Model 2 menunjukkan tidak terdapat perbedaan perilaku. Kemudian analisis pada Model 1 dan Model 2 dengan stokastik ketika bilangan reproduksi dasar lebih besar dari satu ($\mathcal{R}_0 > 1$) masih ada kemungkinan menuju bebas penyakit.

KESIMPULAN

Pada penelitian ini dapat disimpulkan bahwa model penyebaran penyakit kolera SIR-B Wang dan Modnak dapat dimodifikasi menjadi model stokastik. Pada Model 1 diasumsikan populasi konstan dan pada Model 2 diasumsikan populasi tidak konstan. Pada setiap model dapat ditentukan peluang wabah dan hasil penelitian ini

menunjukkan bahwa ketika bilangan reproduksi dasar lebih besar dari satu ($\mathcal{R}_0 > 1$) masih ada kemungkinan menuju bebas penyakit. Selain itu, perbandingan antara Model 1 dan Model 2 menunjukkan bahwa tidak terdapat perbedaan perilaku terhadap peluang bebas penyakit.

Hasil simulasi numerik terhadap tiga kasus perlakuan yaitu vaksinasi, pengobatan dan sanitasi air menunjukkan bahwa tidak ada perbedaan jumlah individu yang terinfeksi untuk Model 1 dan Model 2. Namun perbandingan untuk setiap kasus pada Model 1 dan Model 2 terlihat bahwa pada Kasus 3 banyaknya individu yang terinfeksi paling sedikit dibandingkan dengan yang lainnya. Hal ini disebabkan, jika semakin besar nilai perlakuan yang diberikan maka individu terinfeksi akan semakin kecil.

DAFTAR PUSTAKA

- [1] Allen LJS, Burgin AM. 2000. Comparison of deterministic and stochastic SIS and SIR models in discrete time. *Mathematical Biosciences*. 163:1-33.
- [2] Allen LJS, Lahodny Jr GE. 2012. Extinction Thresholds in Deterministic and Stochastic Epidemic Models. *Biological Dynamics*. DOI: 10.1080/17513758.2012.665502.
- [3] Allen LJS. 2003. *An Introduction to Stochastic Processes with Applications to Biology*. USA: Pearson Education, INC.
- [4] Codeco CT. 2001. Endemic and epidemic dynamics of cholera: the role of the aquatic reservoir. *BMC Infectious Diseases*. 1:1.
- [5] Johnson I. 2004. *Modeling Cholera*. California (US): University of California Santa Cruz Pr.
- [6] Mode C. J, Sleeman C.K. 2000. *Stochastic Processes in Epidemiology*. Singapore : Word Scientific.
- [7] Ross SM. 2010. *Introduction to Probability Models*. Ed ke-10. California (US) : Academic Pr.
- [8] Tu PNV. 1994. *Dynamical System, An Introduction with Applications in Economics and Biology*. New York (US): Springer-Verlag
- [9] [Unicef Indonesia] United Nations Children's Fund Indonesia. 2012. *Ringkasan Kajian : Air Bersih, Sanitasi, dan Kebersihan*. [Internet]. [diunduh 2016 juni 29]. Tersedia pada: www.unicef.org/indonesia/id/A8_-_B_Ringkasan_Kajian_Air_Bersih.pdf.
- [10] Van Den Driessche P, Watmough J. 2002. Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Mathematical Biosciences*. 180:29-48.
- [11] Wang J, Modnak C. 2011. Modeling Cholera Dynamics With Controls. *Canadian Applied Mathematics Quarterly*. 19 (13):255-273.
- [12] [WHO] World Health Organization. 2015. Cholera, 2014. *Weekly Epidemiological Record*. 89(31), 345-356.

